

Jakub Majewski 238902

Termin zajęć: Pt. 17:05

Prowadzący zajęcia: Dr inż. Zbigniew Buchalski

Termin oddania sprawozdania: 11.01.19r.

Sprawozdanie

Projektowanie Efektywnych Algorytmów

Projekt nr 3

Implementacja i analiza efektywności
algorytmu genetycznego dla problemu TSP

I. Wstęp teoretyczny

Podobnie jak w genetyce (skąd pochodzi nazwa algorytmu), algorytm genetyczny opiera się na dwóch podstawowych operacjach:

- mutacji - kiedy jeden genotyp zmienia swoją wewnętrzną strukturę oraz,
- krzyżowania - kiedy powstaje nowy genotyp na podstawie pobranych częściowych informacji z dwóch innych.

Genotypy tworzą populację o ustalonej wielkości, w której dokonywane są mutacje oraz krzyżowania. Kiedy w wyniku tych operacji powstanie nowa zmodyfikowana, większa populacja, jest ona poddawana selekcji - z populacji zostają usunięte najgorsze genotypy tak aby liczba genotypów w populacji była taka sama jak przed mutacjami i krzyżowaniem.

Nowo powstała populacja staje się nowym pokoleniem. Warunkiem stopu algorytmu może być czas wykonywania, albo numer ostatniego pokolenia.

Uproszczony wygląd algorytmu:

```
pop = wygeneruj_losowo_pierwsza_populacje();
posortuj_populacje(pop);
while(czy_zostal_speelniony_warunek_stopu() == false):
    skrzyzuj_n_genotypow_w_populacji(pop, n);
    zmutuj_m_genotypow_w_populacji(pop, m);
    posortuj_populacje(pop);
    dokonaj_selekcji_populacji(pop);
```

II. Opis kodu i lista najważniejszych klas w projekcie

Wybrany sposób mutacji:

W genotypie zostają zamienione miejscami dwa losowe wierzchołki ścieżki.

Wybrany sposób krzyżowania:

1. Wybrane zostają losowo dwa **różne** genotypy,
2. Do nowego genotypu doklejana jest pierwsza bądź druga (wybór losowy) połowa pierwszego genotypu,
3. Druga połowa nowego genotypu jest uzupełniana brakującymi wierzchołkami na podstawie informacji drugiego wybranego genotypu. Wierzchołki drugiego genotypu są dodawane w kolejności od lewej do prawej, po prawej stronie nowego genotypu jeżeli została doklejona pierwsza połowa pierwszego genotypu i po lewej stronie jeżeli została doklejona druga połowa pierwszego genotypu.

Lista klas:

- Rand - generowanie liczb pseudolosowych,
- Graph - wczytywanie i przechowywanie grafu,
- GeneticAlgorithm - ciało algorytmu genetycznego,
- GeneticAlgorithmUnit_Graph - klasa genotypów tworzących populację.

Najważniejsze składowe w klasie GeneticAlgorithm:

- float time - czas [s] przez jaki ma działać algorytm (określa warunek stopu),
- float populationAmount - wielkość populacji jaka ma być po dokonaniu selekcji,
- float crossesAmount - liczba krzyżowań dokonywanych w każdym pokoleniu,
- float mutationsAmount - liczba mutacji dokonywanych w każdym pokoleniu,
- std::vector<std::unique_ptr<Unit>> population - wektor populacji (zbiór genotypów),
- int samplingTime - czas [s] próbkowania aktualnego rezultatu.

III. Wyniki:

1. Plik rbg403.atsp

Liczba wierzchołków = 403

Współczynnik krzyżowania / mutacji = 0.08 / 0.01

Czas wykonywania = 300s

Najkrótsza znana ścieżka = 2755

Czas [s]	Wielkość populacji					
	403 * 1.0 = 403		403 * 2.0 = 806		403 * 5.0 = 2015	
	Długość ścieżki	Błąd względny	Długość ścieżki	Błąd względny	Długość ścieżki	Błąd względny
0	7193	161.08%	7194	161.12%	7198	161.27%
20	5318	93.03%	5677	106.06%	6269	127.54%
40	4816	74.8%	5209	89.07%	5746	108.56%
60	4583	66.35%	4942	79.38%	5446	97.67%
80	4369	58.58%	4680	69.87%	5216	89.32%
100	4223	53.28%	4485	62.79%	5084	84.53%
120	4093	48.56%	4307	56.33%	4946	79.52%
140	4029	46.24%	4205	52.63%	4796	74.08%
160	3938	42.94%	4097	48.71%	4679	69.83%
180	3908	41.85%	4039	46.6%	4602	67.04%
200	3851	39.78%	3952	43.44%	4520	64.06%
220	3804	38.07%	3864	40.25%	4456	61.74%
240	3725	35.2%	3802	38%	4385	59.16%
260	3667	33.1%	3755	36.29%	4296	55.93%
280	3626	31.61%	3700	34.3%	4231	53.57%
300	3598	30.59%	3663	32.95%	4160	50.99%

Najkrótsza znaleziona ścieżka: 135 297 19 236 308 44 112 370 358 251 319 8 101 152 300 221 68 69 394 324 110 151 198 133 364 183 39 347 149 46 113 60 125 258 226 61 276 188 154 326 2 356 374 29 401 40 91 15 43 189 389 99 284 10 311 26 172 392 120 3 81 95 63 175 185 174 204 380 178 11 331 139 334 126 228 265 165 118 50 223 285 386 107 273 247 235 28 80 246 57 399 179 237 193 315 37 316 381 211 390 105 309 74 104 70 220 58 350 396 127 42 245 365 51 92 53 214 355 216 31 148 161 56 103 147 156 176 320 267 131 114 89 201 0 45 184 317 136 242 298 238 192 123 170 398 4 196 224 359 33 384 383 55 305 173 361 108 327 282 160 253 119 52 145 217 362 77 260 87 194 1 157 12 134 187 27 169 283 340 312 197 218 94 96 79 200 302 122 48 162 109 341 213 111 202 252 129 59 140 329 85 368 366 208 296 286 23 168 206 278 372 261 232 294 304 6 41 9 150 371 375 281 328 38 116 163 234 71 138 391 270 47 219 13 24 343 62 14 272 240 191 373 25 64 255 128 30 207 212 227 78 254 16 268 171 18 86 269 158 144 288 146 388 337 378 313 292 318 259 203 387 182 266 333 395 287 402 34 243 167 248 130 257 84 299 345 5 102 72 90 249 256 301 143 7 159 293 351 82 83 271 262 377 303 239 342 181 225 117 142 321 367 349 93 280 241 348 65 36 137 379 363 164 277 336 106 291 97 360 222 215 49 205 231 376 76 314 290 330 195 295 397 100 190 344 335 66 141 263 75 153 400 310 250 177 20 307 279 17 186 352 353 22 354 323 35 244 325 132 393 229 199 166 73 306 357 322 121 32 332 67 385 369 180 54 382 230 210 275 233 21 209 338 115 88 339 124 289 274 264 346 155 98 135

2. Plik ftv170.atsp

Liczba wierzchołków = 171

Współczynnik krzyżowania / mutacji = 0.08 / 0.01

Czas wykonywania = 300s

Najkrótsza znana ścieżka = 2465

Czas [s]	Wielkość populacji					
	171 * 1.0 = 171		171 * 2.0 = 342		171 * 5.0 = 855	
	Długość ścieżki	Błąd względny	Długość ścieżki	Błąd względny	Długość ścieżki	Błąd względny
0	23900	869.57%	23043	834.8%	23235	842.59%
20	11062	348.76%	10735	335.49%	11315	359.02%
40	9733	294.84%	9590	289.04%	9778	296.67%
60	9109	269.53%	8745	254.76%	8970	263.89%
80	8794	256.75%	8409	241.13%	8435	242.19%
100	8673	251.84%	8291	236.34%	8289	236.26%
120	8566	247.5%	8208	232.98%	8254	234.84%
140	8490	244.42%	7952	222.59%	8162	231.11%
160	8331	237.97%	7893	220.2%	8135	230.02%
180	8194	232.41%	7782	215.69%	8118	229.33%
200	8069	227.34%	7656	210.58%	8093	228.31%
220	7968	223.24%	7646	210.18%	8090	228.19%
240	7904	220.64%	7649	210.3%	8086	228.03%
260	7793	216.14%	7661	210.79%	8074	227.54%
280	7744	214.15%	7661	210.79%	8074	227.54%
300	7590	207.91%	7613	208.84%	8100	228.6%

Najkrótsza znaleziona ścieżka: 48 47 44 155 41 31 30 29 20 86 70 163 107 166 93 125 127 169 5 1 78 38 49 59 51 37 39 45 40 156 35 33 42 61 62 57 56 64 58 43 54 55 53 85 69 167 82 79 72 168 76 10 8 81 80 16 159 15 23 22 21 17 14 7 139 149 25 32 158 19 12 170 60 84 118 116 141 134 112 111 130 110 104 113 128 129 147 136 135 138 137 124 65 63 68 52 46 34 157 36 13 24 26 150 148 146 121 102 100 101 162 123 122 143 142 152 6 3 131 114 165 105 115 133 4 9 151 160 161 27 28 18 11 75 74 71 83 109 120 119 117 103 99 97 106 0 2 140 144 145 126 77 73 50 87 92 108 132 164 91 90 88 66 67 153 89 154 94 95 98 96 48

3. Plik ftv47.atsp

Liczba wierzchołków = 48

Współczynnik krzyżowania / mutacji = 0.08 / 0.01

Czas wykonywania = 300s

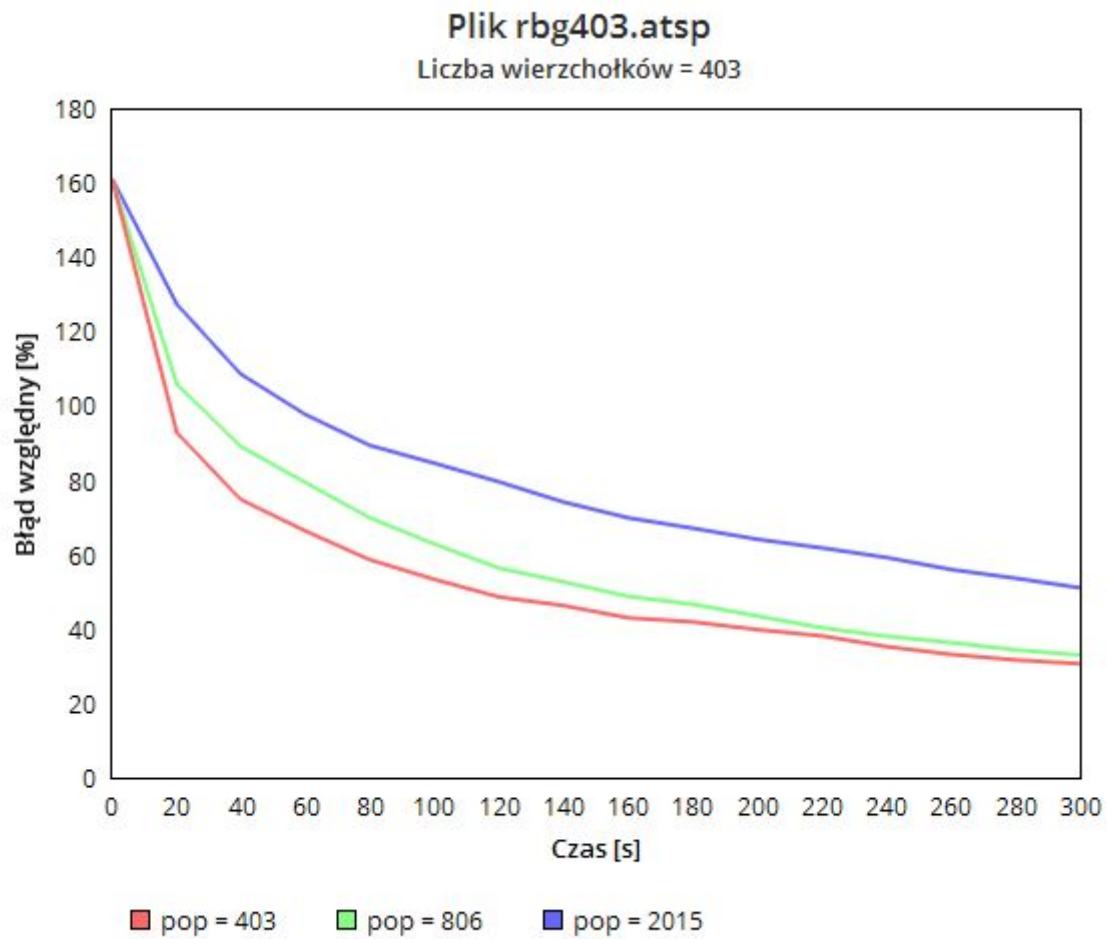
Najkrótsza znana ścieżka = 1776

Czas [s]	Wielkość populacji					
	48 * 50.0 = 2400		48 * 20.0 = 960		48 * 10.0 = 480	
	Długość ścieżki	Błąd względny	Długość ścieżki	Błąd względny	Długość ścieżki	Błąd względny
0	5498	209.57%	5711	221.56%	5487	208.95%
20	2698	51.91%	2686	51.23%	2871	61.65%
40	2698	51.91%	2523	42.06%	2871	61.65%
60	2698	51.91%	2428	36.71%	2871	61.65%
80	2686	51.23%	2367	33.27%	2871	61.65%
100	2686	51.23%	2337	31.58%	2871	61.65%
120	2686	51.23%	2337	31.58%	2860	61.03%
140	2686	51.23%	2374	33.67%	2860	61.03%
160	2686	51.23%	2318	30.51%	2860	61.03%
180	2686	51.23%	2315	30.34%	2860	61.03%
200	2686	51.23%	2315	30.34%	2860	61.03%
220	2659	49.71%	2315	30.34%	2860	61.03%
240	2597	46.22%	2315	30.34%	2860	61.03%
260	2597	46.22%	2315	30.34%	2860	61.03%
280	2563	44.31%	2315	30.34%	2860	61.03%
300	2563	44.31%	2315	30.34%	2860	61.03%

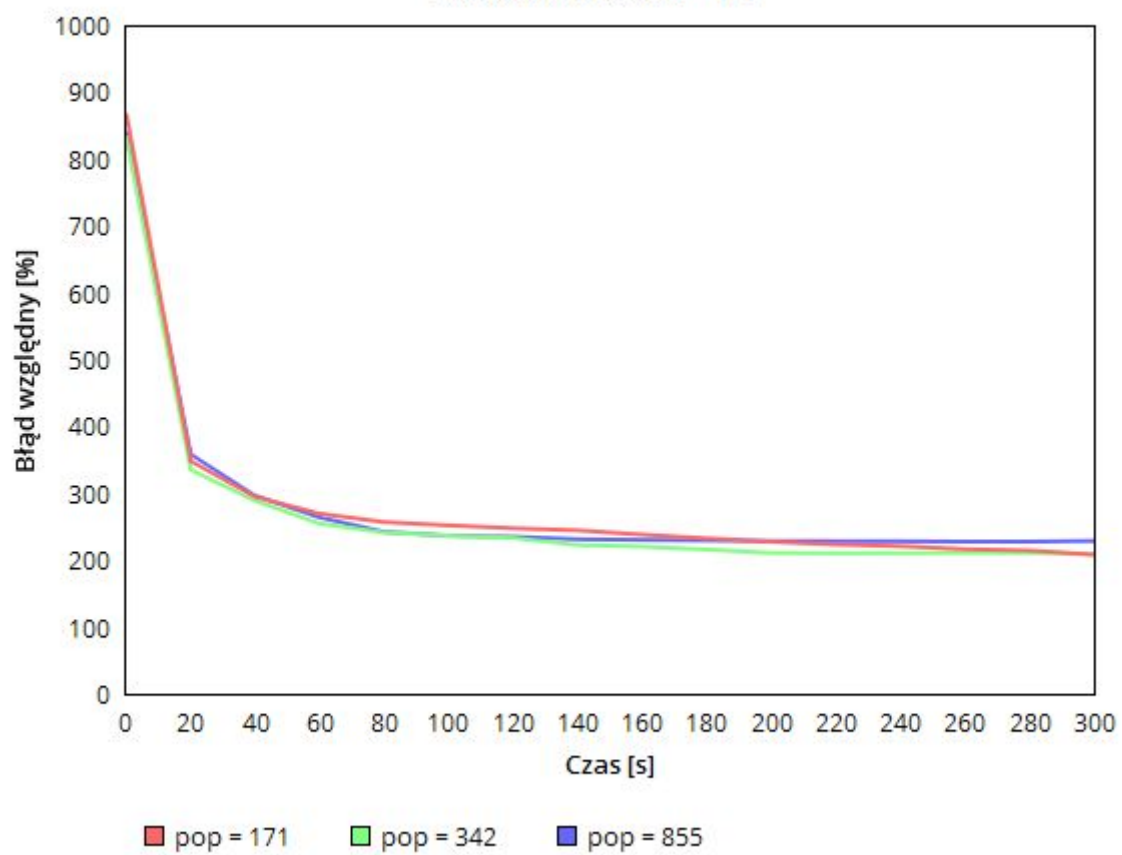
Najkrótsza znaleziona ścieżka: 17 18 37 5 31 30 27 9 28 43 2 33 3 29 4 24 6 10 25 0 38 20 15 36 46 13 12 23 7 32 8 11 1 42 26 47 40 41 22 21 44 19 39 45 16 14 35 34 17

IV. Wykresy

Porównanie błędów względnych dla różnych wielkości populacji zależnych od czasu trwania algorytmu.

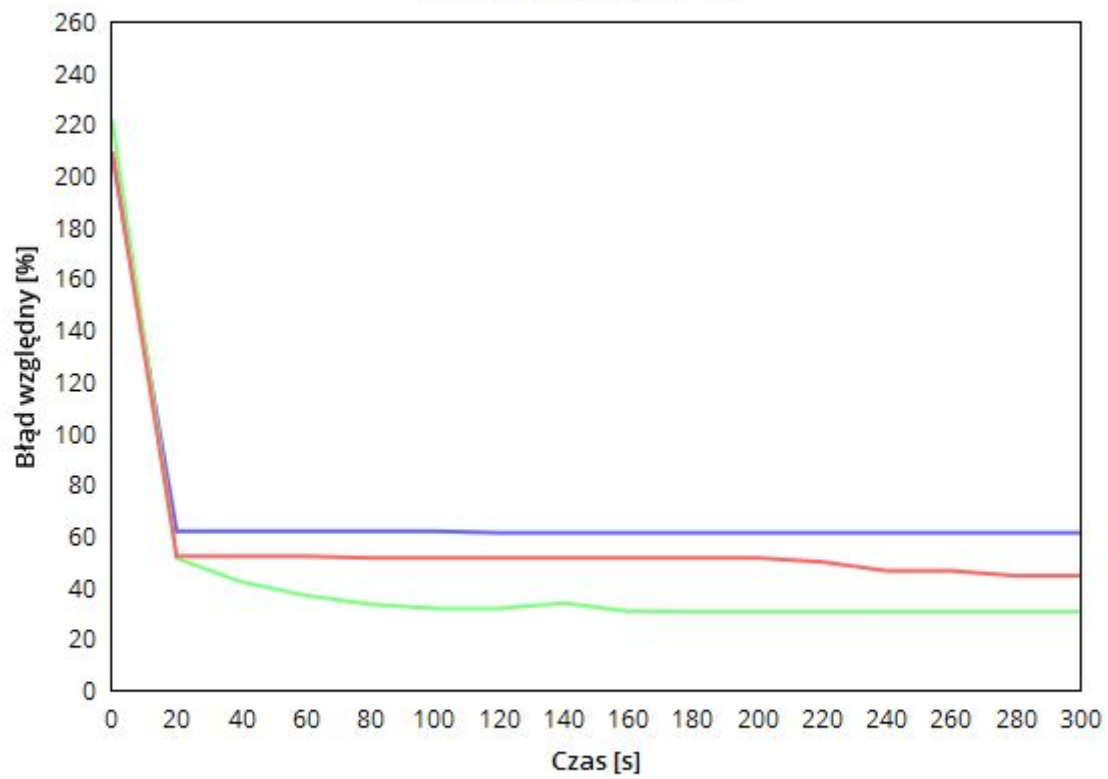


Plik ftv170.atsp
Liczba wierzchołków = 171



Plik ftv47.atsp

Liczba wierzchołków = 48



pop = 2400

pop = 960

pop = 480